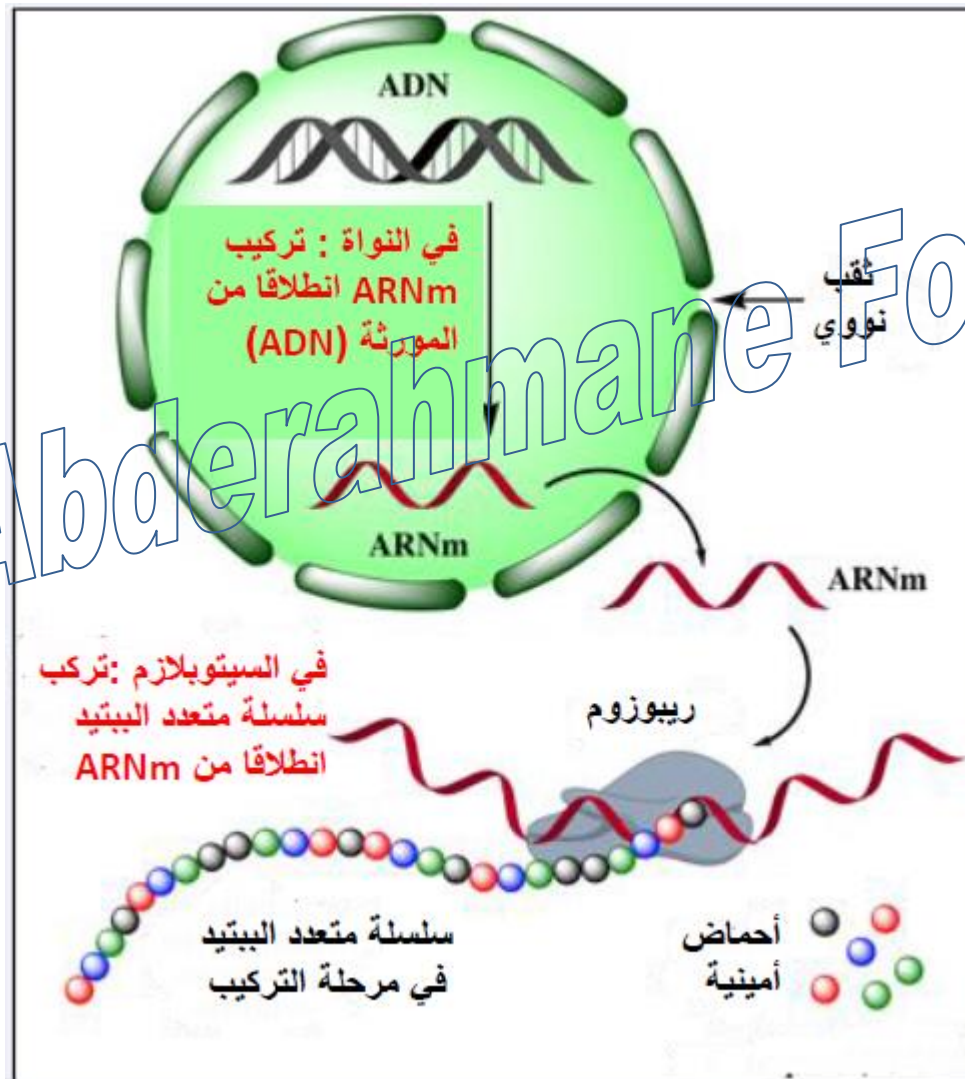


النشاط 1 : تذكير بالمكتسبات

- ✓ تركيب الخلية أنماط مختلفة من البروتينات المتخصصة وظيفيا، يخضع هذا التركيب لمعلومات وراثية موجودة على مستوى المورثات.
- ✓ يترجم التعبير المورثي على المستوى الجزيء، بتركيب بروتين مصدر النمط الظاهري للفرد على مختلف المستويات : العضوية، الخلية و الجزيئي.
- ✓ يتموضع الحمض النووي الريبي منقوص الأوكسجين (ADN) في النواة.
- ✓ يعتبر الـ ADN دعامة الصفات الوراثية.
- ✓ تكون الصفات الوراثية على شكل مورثات في جزيئة الـ ADN .
- ✓ المورثة عبارة عن تتالي محدد من النيكليوتيدات .



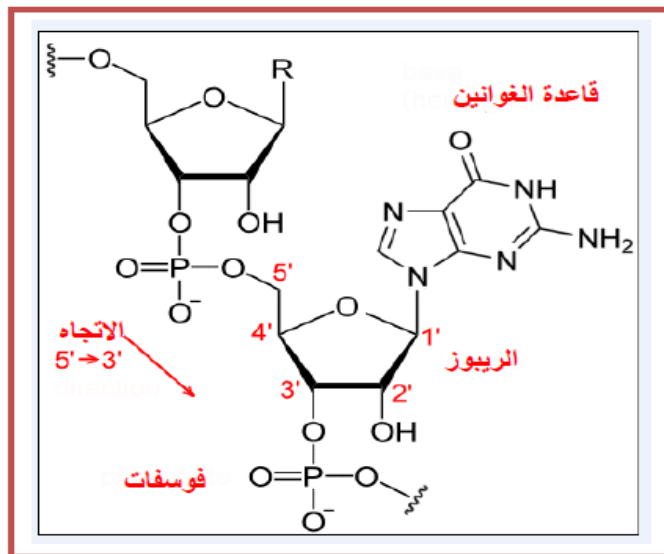
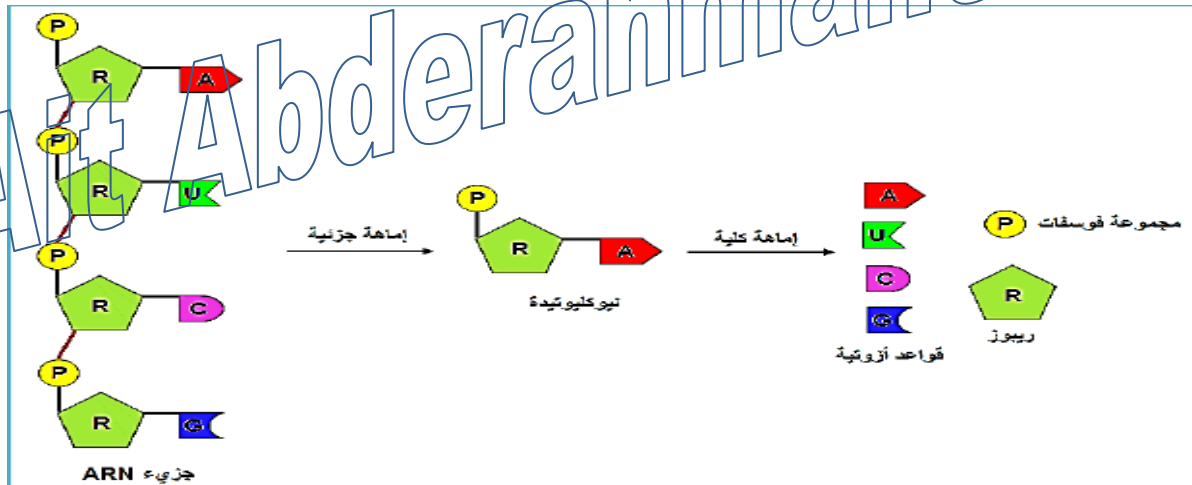
رسم تخطيطي مبسط يوضح مراحل التعبير المورثي عند حقيقيات النوى

الانشاطة 2 : مقرر تركيب البروتين

- ✓ يتم تركيب البروتين عند حقيقيات النوى في هيولى الخلايا انطلاقا من الأحماض الأمينية الناتجة عن الهضم.
- ✓ يؤمن انتقال المعلومة الوراثية من النواة إلى مواقع تركيب البروتينات، نمط آخر من الأحماض النووية يدعى الحمض الريبى النووي الرسول (ARNm).

المكونات الكيميائية لجزيء الـ ARN

- ✓ الحمض الريبى النووي (ARNm) عبارة عن جزيئة قصيرة، تتكون من خيط مفرد واحد، متشكل من:
- ❖ تتالى نيكليوتيدات ريبية تختلف عن بعضها حسب القواعد الآزوتية الداخلة في تركيبها (الأدينين، الغوانين، السيتوزين، اليوراسيل). ترتبط النيكليوتيدات مع بعضها البعض بروابط إستر فوسفاتية،
- ❖ النيكليوتيد الريبى هو النيكليوتيد الذي يدخل في بناءه الريبوز: سكر خماسي الكربون.
- ❖ اليوراسيل قاعدة آزوتية مميزة للأحماض الريبية النووية.

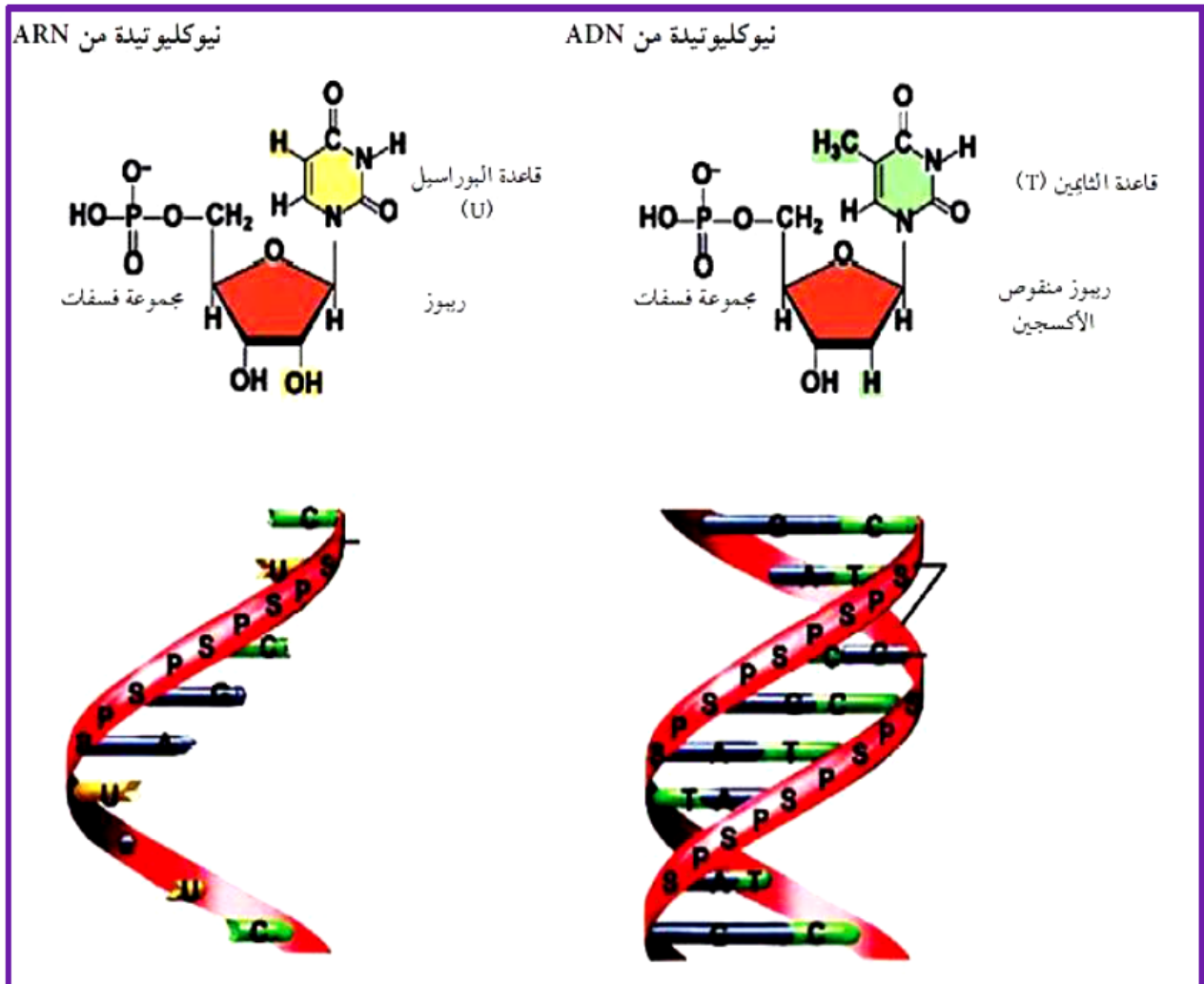


كيفية ارتباط النيكليوتيدات مع بعضها في سلسلة الـ ARN بروابط استر فوسفاتية

الانشاطة 3 : استنساخ المعلومات الوراثية الموجودة على مستوى الـ ADN

يلعب الـ ARNm دور الوسيط الكيميائي بين النواة و الهيولى، فهو يعمل على نقل المعلومة الوراثية من الـ ADN في النواة إلى مستوى الهيولى مما يطرح التساؤل التالي:
كيف يتم بناء هذا الوسيط أي كيف يمكن له أن يكون وسيطا بين المعلومة الوراثية الموجودة في جزيئة ADN و البروتين ؟

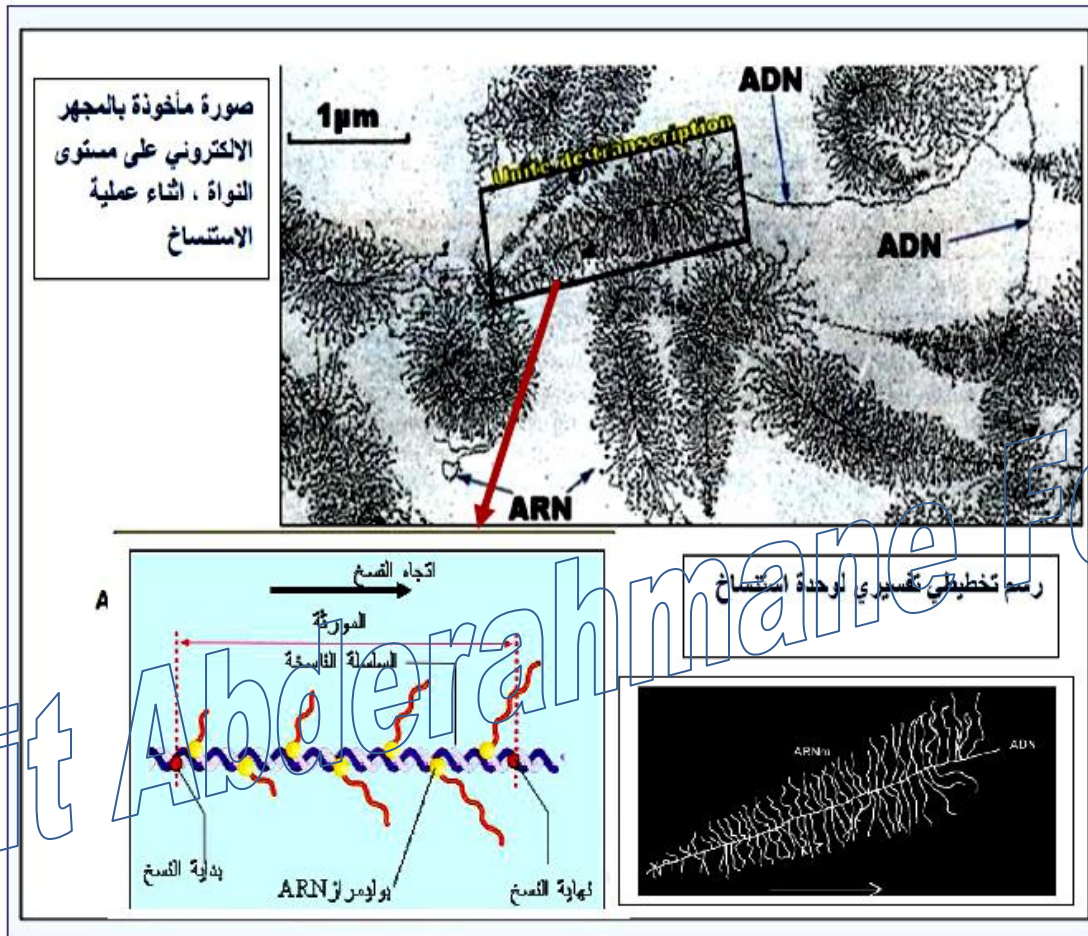
1 - مقارنة بين الـ ADN والـ ARN



ARN	ADN
حمض نووي ريبى (نيكليوتيدات ريبية)	حمض نووي ريبى منقوص الأكسجين (يتكون من نيكليوتيدات ريبية منقوصة الأكسجين)
يتكون من سلسلة واحدة	يتكون من سلسلتين
القواعد الازوتية (G, C, A, U)	القواعد الازوتية (G, C, A, T)
سكر ريبوز R	سكر ريبوز منقوص الأكسجين D
يتواجد في النواة والهيولى	يتواجد في النواة فقط (حقيقيات النواة)

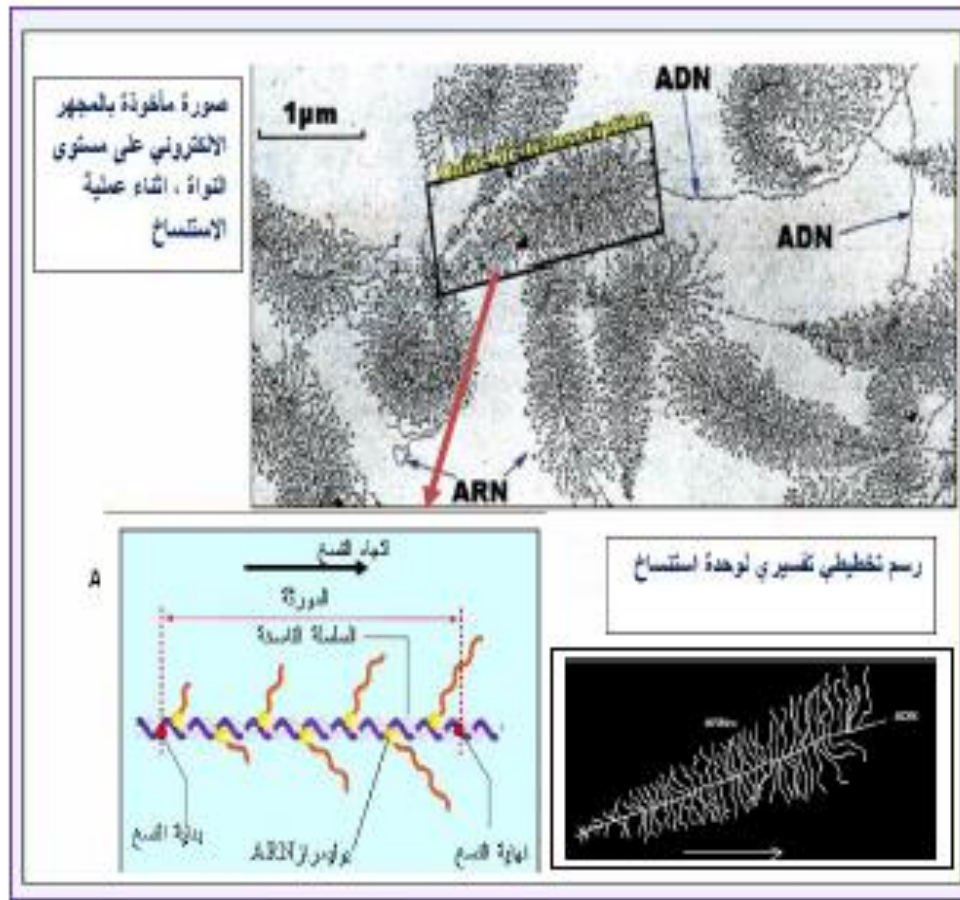
✓ نظرا لوجود تكامل بين البنيتين (إحدى سلاسل الـ ADN و الـ ARNm) ، فهذه السلسلة من الـ ADN هي بمثابة القالب للـ ARNm أي أنها تستنسخ منها.

2 - استنساخ المعلومة الوراثية :



- ✓ تظهر الصورة عددا كبيرا من سلاسل ARNm تخرج من الـ ADN على طول امتداد المورثة.
- ✓ كل سلسلة من هذه السلاسل هي نسخة من مورثة، يتم نسخها أثناء تركيب البروتين.
- ✓ عملية استنساخ الـ ARNm من ADN يتطلب تدخل إنزيم نوعي هو بوليمراز (انزيم بلمرة ARN).
- ✓ اتجاه الاستنساخ يتم من بداية المورثة اتجاه نهاية المورثة ، حيث سلسلة الـ ARN الناتجة يزداد طولها كلما اتجهنا نحو نهاية المورثة.

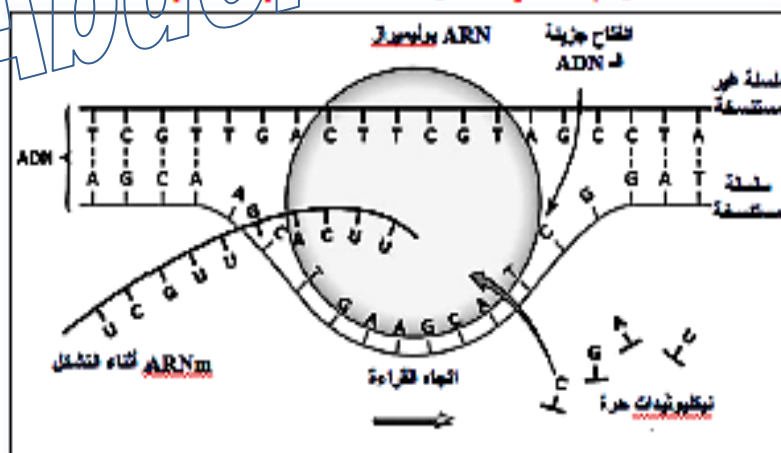
2 - استنساخ المعلومة الوراثية :



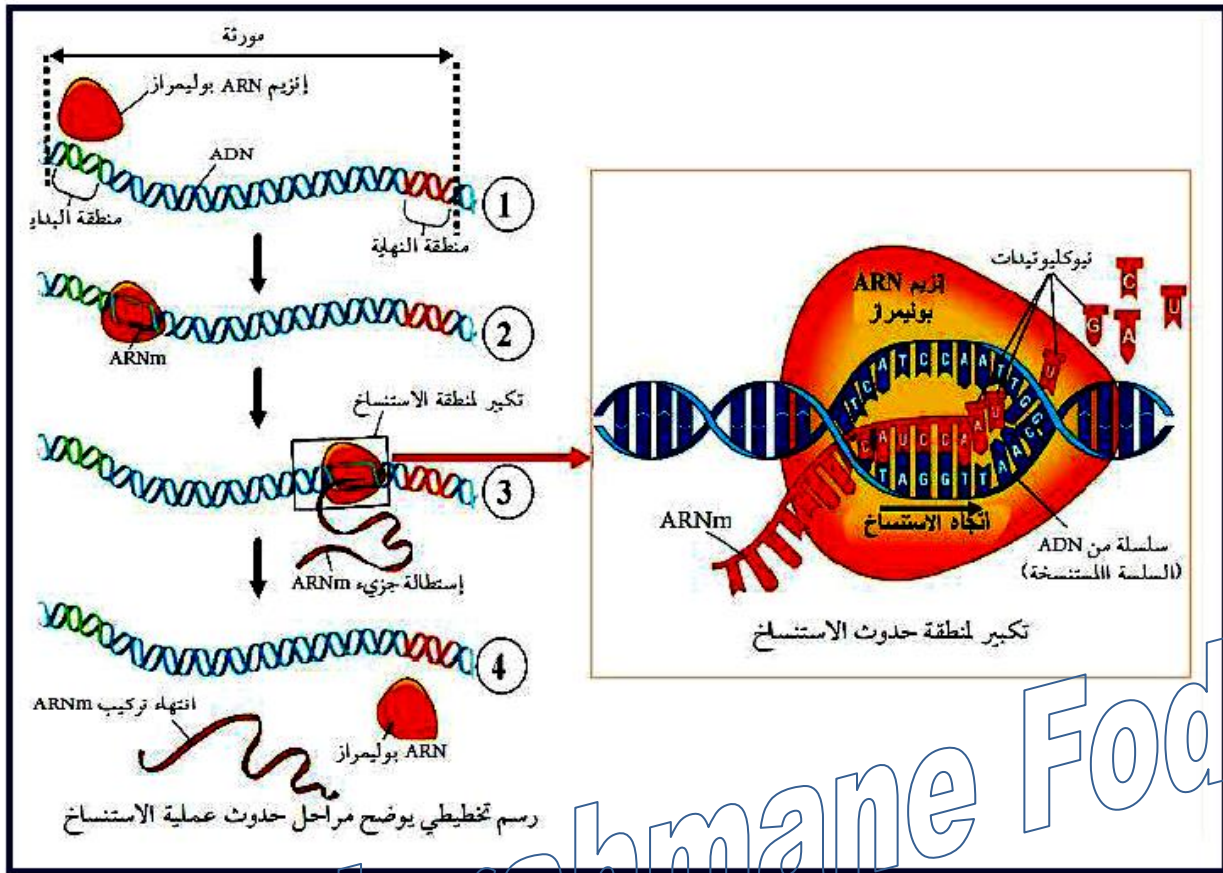
- ✓ تظهر الصورة عددا كبيرا من سلاسل ARNm تخرج من الـ ADN على طول امتداد المورثة.
- ✓ كل سلسلة من هذه السلاسل هي نسخة من مورثة، يتم نسخها أثناء تركيب البروتين.
- ✓ عملية استنساخ الـ ARNm من ADN تتطلب تدخل إنزيم نوعي هو بوليمراز (إنزيم يلصق الـ ARN).
- ✓ اتجاه الاستنساخ يتم من بداية المورثة اتجاه نهاية المورثة ، حيث سلسلة الـ ARN الناتجة يزداد طولها كلما اتجهنا نحو نهاية المورثة.

3- تفاصيل حول حدوث عملية الاستنساخ

رسم تخطيطي لآلية تركيب الـ ARNm (الاستنساخ)



تمثل الوثيقة التالية بعض تفاصيل حدوث عملية الاستنساخ



* الرقم 1- يمثل المورثة في الحالة **الخاملة** (قبل النشاط)، **للمورثة بداية ونهاية**

* الرقم 2- يمثل ارتباط إنزيم ARN بوليميراز ببداية المورثة وبالتالي انطلاق

عملية الاستنساخ فتوصف **بالانطلاق**.

* الأرقام 2- و 3- تمثل إزالة التقاف وفك إنزيم الـ ARN بوليميراز لسلسلتي

ADN ثم التعرف على تتابع النيكليوتيدات أو القواعد الأزوتية على إحدى سلسلتي

ADN (**السلسلة المستنسخة**) وتثبيت النيكليوتيدات المكمل على السلسلة المنسوخة

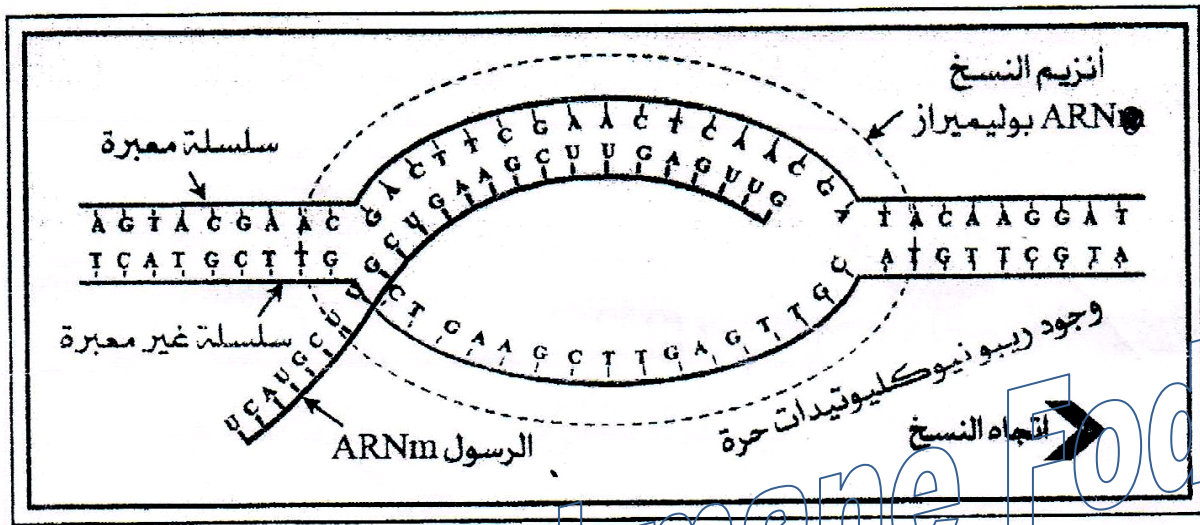
(ARNm)، استطالة سلسلة ARNm فوصفت هذه المرحلة **بالاستطالة**.

* الرقم 4- يشير إلى انتهاء الاستنساخ فتوصف هذه المرحلة **بالنهاية**.

- العناصر الضرورية لحدوث عملية الاستنساخ :

- ✓ المورثة (المعلومات الوراثية الأصلية على جزيئة ADN).
- ✓ إنزيم ARN بوليميراز.
- ✓ 4 أنواع من النيوكليوتيدات الداخلة في تركيب الـ ARN.

- مراحل حدوث عملية الاستنساخ :



رسم توضيحي لعملية الاستنساخ

تمر عملية الاستنساخ بالخطوات التالية :

الانطلاق :

- ❖ يرتبط إنزيم ARNm بوليميراز بمنطقة بداية المورثة و يقوم بفتح سلسلتي الـ ADN بعد كسر الروابط الهيدروجينية ثم قراءة تتابع القواعد الأزوتية على إحدى سلسلتي الـ ADN وربط النيوكليوتيدات الموافقة لها لتركيب سلسلة من ARN

الإستطالة :

- ❖ ينتقل الإنزيم على طول سلسلة الـ ADN لتستمر القراءة بنفس الآلية و تتطاول سلسلة الـ ARN.

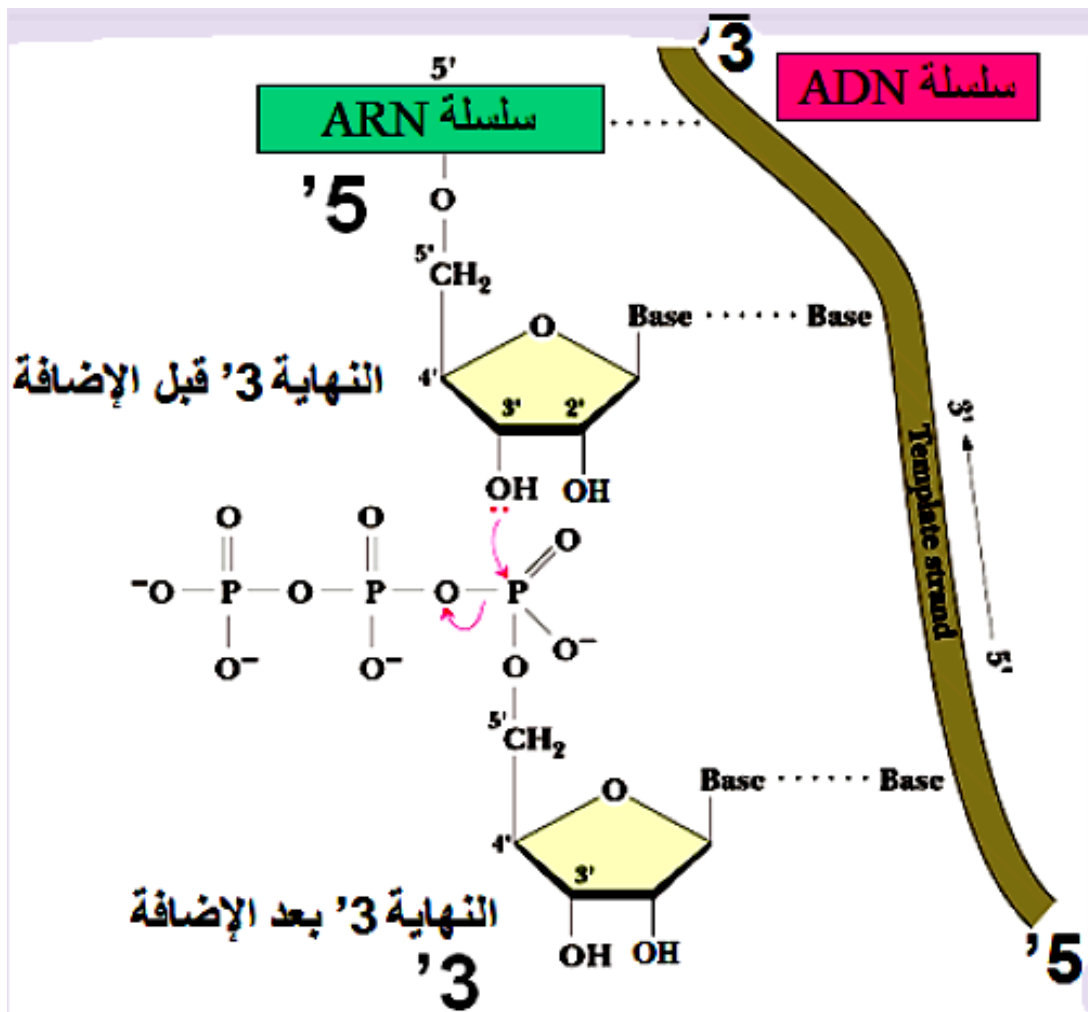
النهاية :

- ❖ عند وصول الإنزيم إلى النهاية المورثة تتوقف إستطالة الـ ARN الذي ينفصل عن الـ ADN و ينفصل الإنزيم و تلحم سلسلتي الـ ADN .

معلومات مفيدة

1 - اتجاه الاستنساخ

❖ تصنيع ARN يكون في الإتجاه '3' أي من '5' ← '3' عكس اتجاه سلسلة ADN القالب (السلسلة الغير الناسخة).

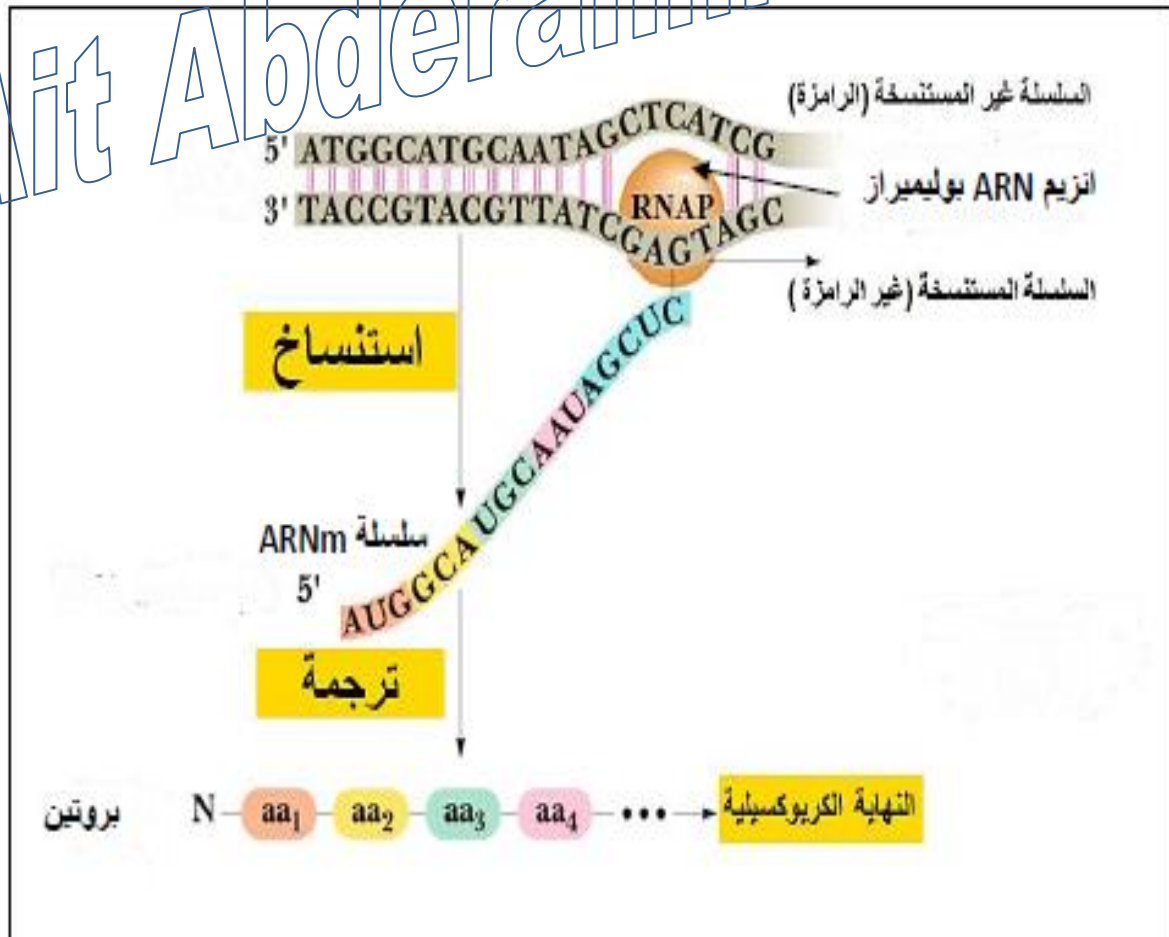


ب- دور انزيم ARN بوليميراز (انزيم بلمرة ARN)

❖ يستعمل انزيم البلمرة (ARN بوليميراز) نيوكليوتيدة ثلاثية الفسفات ويضيفها في صورة احادية الفسفات بعد نزع مجموعتي فسفات لتتكون رابطة إستر فوسفاتية جديدة.

الحصيلة

يتم التعبير عن المعلومة الوراثية التي توجد في الـ ADN على مرحلتين هما الاستنساخ والترجمة.
مرحلة الاستنساخ: تتم في النواة ويتم خلالها التصنيع الحيوي لجزيئة الـ ARNm انطلاقاً من إحدى سلسلتي الـ ADN (السلسلة الناسخة) في وجود أنزيم الـ ARN بوليمراز، وتخضع لتكامل النكليوتيدات بين سلسلة الـ ARNm و السلسلة الناسخة.
 بواسطة عدة أنزيمات الـ ARNm بوليمراز تستنسخ مورثة واحدة في آن واحد مما يسرع عملية الاستنساخ.



النشاط 4 : الترجمة

مرحلة الترجمة : توافق التعبير عن المعلومة الوراثية التي يحملها الـ ARNm إلى متتالية أحماض أمينية في الهيولى الخلوية.

1 - الشفرة الوراثية

✓ تنسخ المعلومة الوراثية بشفرة خاصة: تدعى الشفرة الوراثية.

كيف تحل اللغة النووية (أبجدية بـ 04 أحرف لقواعد أزوتية) بلغة بروتينية (أبجدية بـ 20 حرف لحموض أمينية) ؟

أ - عدد الاحتمالات:

* يمكن تصور عدة احتمالات:

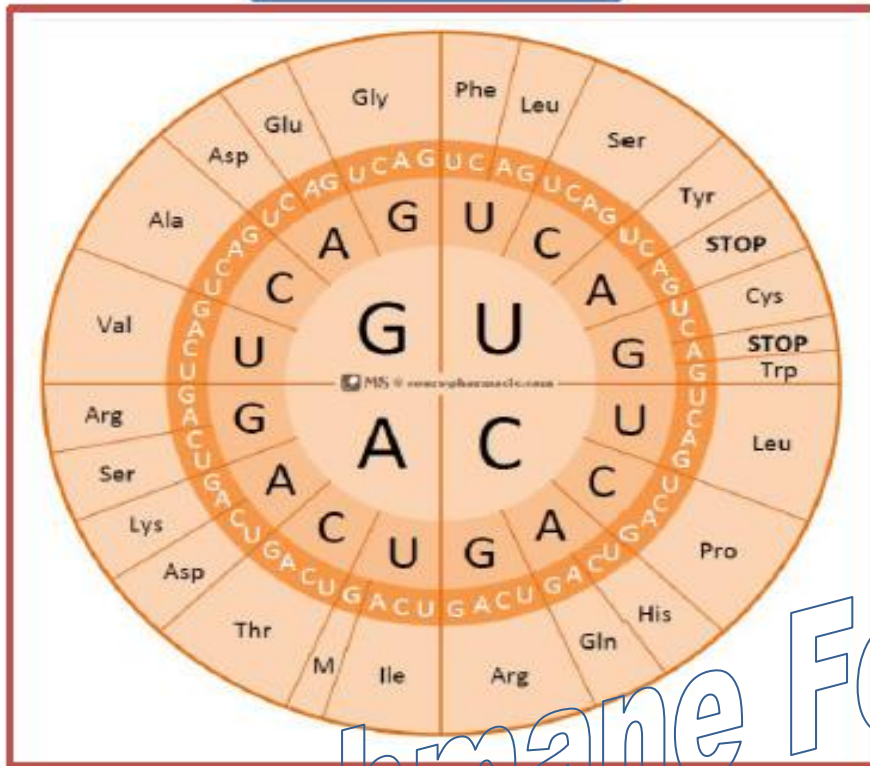
- 1 - كل قاعدة تشفر لاستعمال حمض أميني واحد، وبالتالي سيتم استعمال 04 أحماض أمينية فقط.
- 2 - تتابع قاعدتين في ARNm يشفر لاستعمال حمض أميني واحد، سيتم استعمال 4^2 أي 16 حمض أميني.
- 3 - تتابع ثلاث نيكليوتيدات يشفر لاستعمال حمض أميني واحد، سينتج عدد 4^3 أي 64 حمض أميني.
- س1 - ما هو الاحتمال الصحيح ؟ علل إجابتك.
- ج1 - الإحتمال الصحيح هو الإحتمال الثالث، حيث عدد كلمات الشفرة الوراثية هو 64 وهو عدد كافي لتغطية استعمال 20 حمض أميني.

ب - جدول الشفرة الوراثية: لقد تم اكتشاف جميع كلمات الشفرة الوراثية.

		الحرف الثاني				
		U	C	A	G	
U	UUU	Phe	UCU	UAU	UGU	U
	UUC		UCC	UAC	UGC	C
	UUA	Leu	UCA	UAA	UGA	A
	UUG		UCG	UAG	UGG	G
C	CUU		CCU	CAU	CGU	U
	GUC	Leu	CCG	CAC	CGC	C
	GUA		GGA	GAA	GGA	A
	CUG		CCG	CAG	CGG	G
A	AUU	Ile	ACU	AAU	AGU	U
	AUC		ACC	AAC	AGC	C
	AUA		ACA	AAA	AGA	A
	AUG	Metor start	ACG	AAG	AGG	G
G	GUU		GCU	GAU	GGU	U
	GUC	Val	GCC	GAC	GGC	C
	GUA		GCA	GAA	GGA	A
	GUG		GCG	GAG	GGG	G

Gly	Ala	Phe
Cys	Tyr	Leu
Trp	His	Ile
Arg	Gln	Val
Asp	Asn	Ser
Glu	Lys	Pro
	Thr	Met

النموذج الثاني



النشاط 5 : مراحل الترجمة

1 - مقر تركيب البروتين

✓ يتم ربط الأحماض الأمينية في متتالية محددة على مستوى ريبوزومات متجمعة في وحدة متميزة تدعى متعدد الريبوزوم.

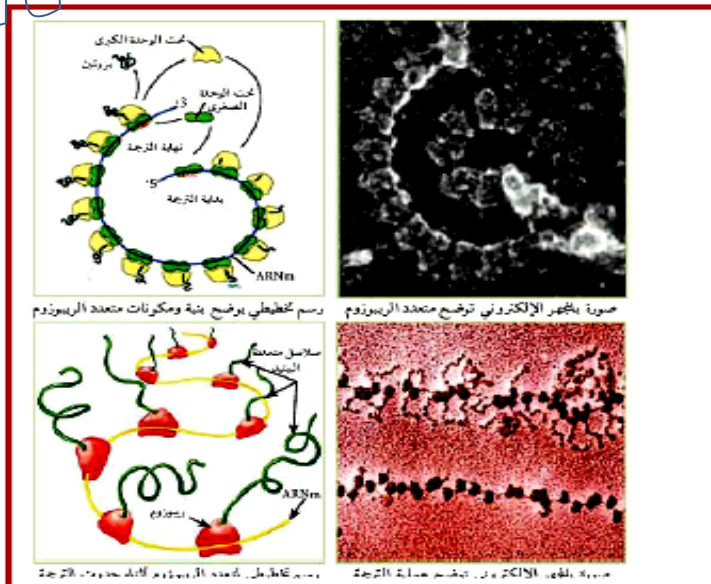
تعريف لمتعدد الريبوزوم (البوليزوم polysome):

✓ ارتباط عدد من الريبوزومات بجزيء واحد من الـ mRNA، حيث يقوم كل ريبوزوم بإنتاج سلسلة ببتيدية في آن واحد

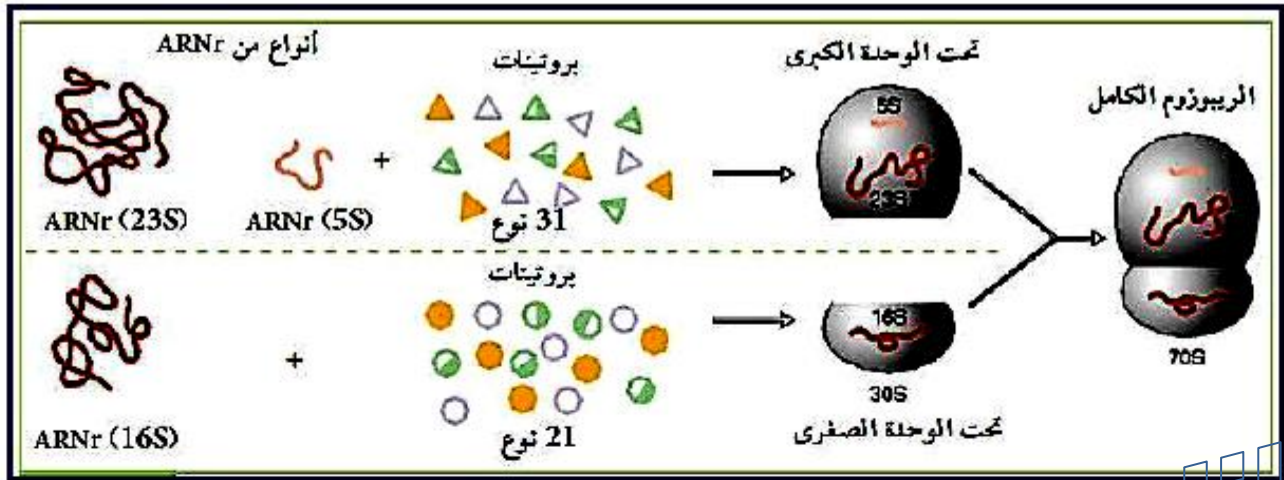
دور متعدد الريبوزوم :

✓ متعدد الريبوزوم هو طريقة فعالة لتركيب البروتين بسرعة، لإنتاج كمية معتبرة من نفس البروتين في وقت أقل. حيث القراءة المتزامنة للـ mRNA نفسه من طرف عدد من الريبوزومات بزيادة كمية البروتينات المصنعة.

✓ عدد الريبوزومات المرتبطة هو وسيلة للتحكم في سرعة وكمية تركيب البروتين حسب حاجة الخلية.

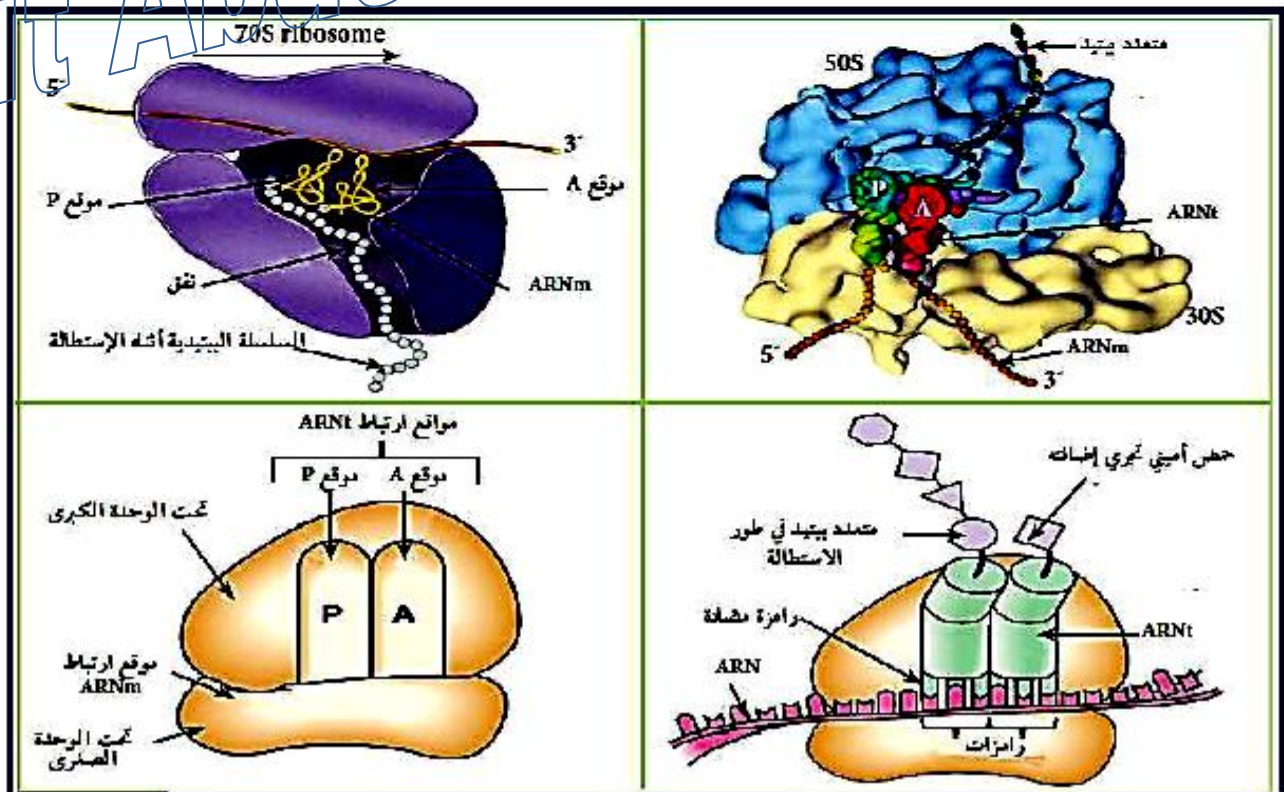


2 - بنية ومكونات الريبوزوم



- ✓ يتكون الريبوزوم في اوليات النواة مثل البكتيريا من تحت وحدتين :
- تحت وحدة صغيرة تتكون من نوع واحد من ARNr (16S) و 21 نوع من البروتينات.
- تحت وحدة كبيرة تتكون من نوعين من ARNr (23S) و 31 نوع من البروتينات.

أ - البنية الفراغية للريبوزوم



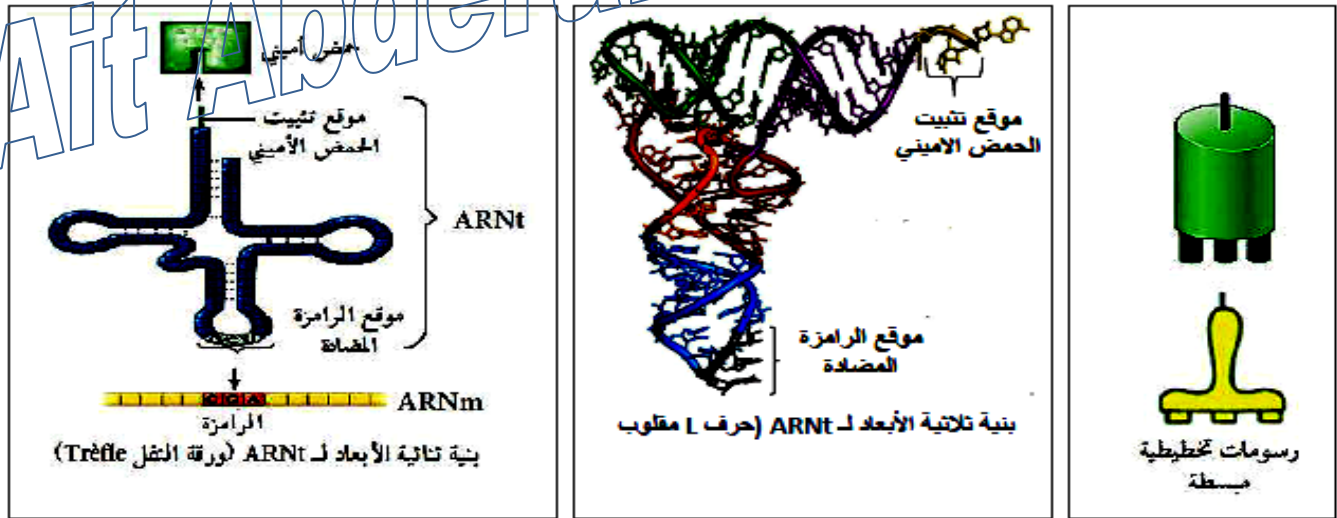
ب - وصف بنية الريبوزوم :

- ✓ تتكون كل جزيئة ريبوزوم من تحت وحدتين: تحت وحدة كبيرة و تحت وحدة صغيرة
- ✓ يحتوي الريبوزوم على موقعين لتثبيت ARNt (موقعين تحفيزيين): موقع الحمض الأميني (الموقع A :
- Aminoacyl – ARNt) وموقع الببتيد (الموقع P)
- ✓ كما يحتوي الريبوزوم على نفق في تحت الوحدة الكبرى لخروج السلسلة الببتيدية ونفق بيت تحت والحدتين لتوضع جزيء الـ ARNm يسمح بإنزلاق وتنقل الريبوزوم على خيط ARNm.

معلومات مفيدة:

- ✓ الموقع A والموقع P تقع في معظمها في تحت الوحدة البنائية الكبرى لكنها تستكمل بشكل متمم في تحت الوحدة البنائية الصغرى.
- ✓ عملية تركيب ARNr مشابهة للـ ARNm وهذا إنطلاقا من مورثات خاصة (ADN)
- ✓ يتشكل الريبوزوم من تحت وحدتين: تحت وحدة صغيرة وأخرى كبيرة:
- ✓ 40s و 60s عند حقيقيات النواة.
- ✓ 30s و 50s عند بدائيات النواة
- ✓ كل وحدة مكونة من مزيج من ARNr الريبوزومي و بروتينات (60% ARNr و 40% بروتينات)
- ✓ تحت الوحدات يتم تركيبها داخل النواة.

3- بنية ARN الناقل (ARNt)



- ✓ يتكون ARNt الناقل من سلاسل صغيرة تحتوي من 70 إلى 80 نيكليوتيد. له بنية فراغية كروية على العكس من (ARNm) ذو بنية أولية (خطية).
- ✓ تتميز بنية الـ ARNt بخواص تركيبية نظرا لوجود موقعين للإرتباط نوعين مستقلين:
- ❖ موقع التعرف على الحمض الأميني : يتعرف و يرتبط بالحمض الأميني بمساعدة إنزيم نوعي
- ❖ الموقع الرامزة المضادة : الموجود في الطرف الآخر من الجزيء يسمح بالتعرف على الرامزة الموجودة في تتابع القواعد الأزوتية على جزيء الـ ARNm .

✓ يتمثل دور جزيئات الحمض الريبي النووي الناقل (ARNt) في تثبيت، نقل وتقديم الأحماض الأمينية الموافقة على مستوى الريبوزوم.



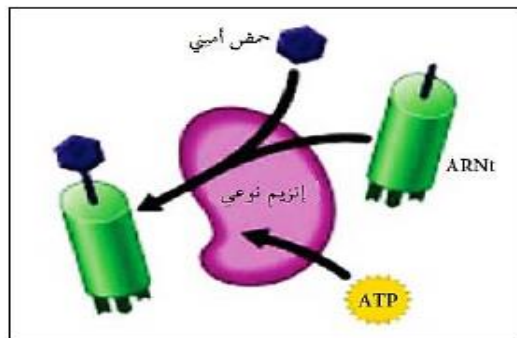
معلومات مفيدة :

- ✓ الطاقة المتحررة من انفصال ARNt عن الحمض الأميني تسمح بتشكيل رابطة ببتيدية بين الحمض الأميني الموجود في الموقع الببتيدي (P) مع الآخر الموجود في موقع الحمض الأميني (A) للريبوزوم. وهذا يعطى ضرورة وجود موقعين لحمضين أمينيين في الريبوزوم (الموقع P والموقع A).
- ✓ ARNt = سلسلة ARN تلتف حول نفسها لتشكيل بنية ثلاثية الأبعاد.
- ✓ كل ARNt يركب مثل الـ ARNm وهذا إنطلاقاً من مورثات خاصة في الـ ADN (وهي مورثات لا تشفر للبروتينات)

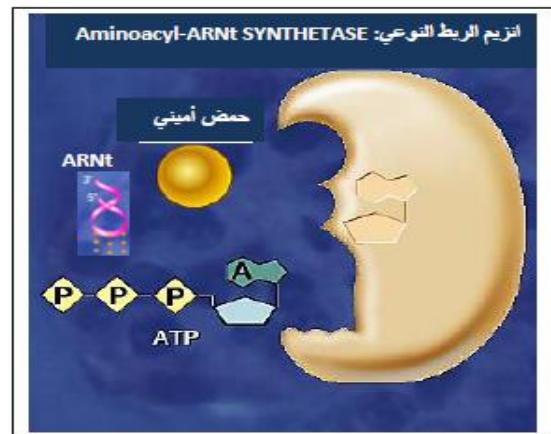
4 - تنشيط الأحماض الأمينية

- ✓ الحمض الأميني لا يدخل في تركيب متعدد الببتيد إلا إذا كان منشطاً.
- ✓ يقصد بالتنشيط : ارتباط الحمض الأميني مع ARNt النوعي لهبر رابطة عالية بالطاقة.

أ - العناصر اللازمة لتنشيط الأحماض الأمينية ودور كل منها



تنشيط الأحماض الأمينية



انزيم الربط النوعي (Aminoacyl-ARNt SYNTHETASE):

✓ مسؤول عن تشكيل المعقد (حمض أميني-ARNt)

✓ يملك موقعين نوعيين هما :

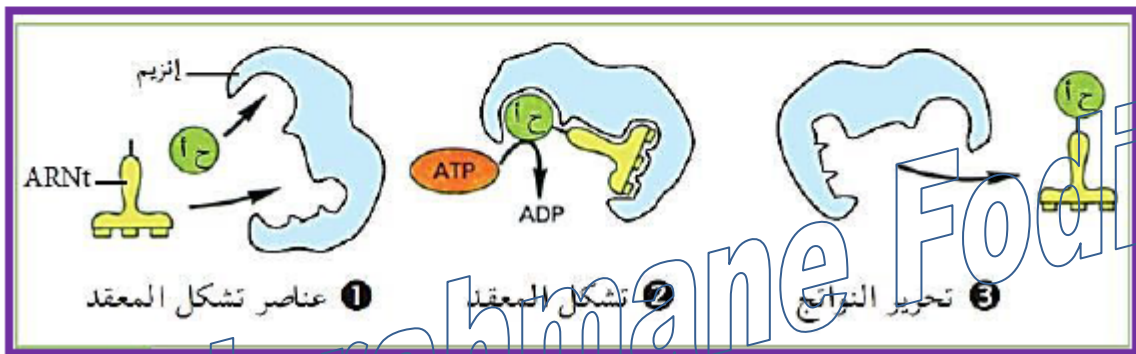
❖ موقع خاص بتنشيط الحمض الأميني.

❖ موقع خاص بتنشيط ال-ARNt.

طاقة (ATP):

✓ لربط الحمض الأميني مع ال-ARNt نوعي له برابطة غنية بالطاقة والناتجة عن إماهة ATP.

ب - وصف مراحل تنشيط الحمض الأميني



المرحلة 1:

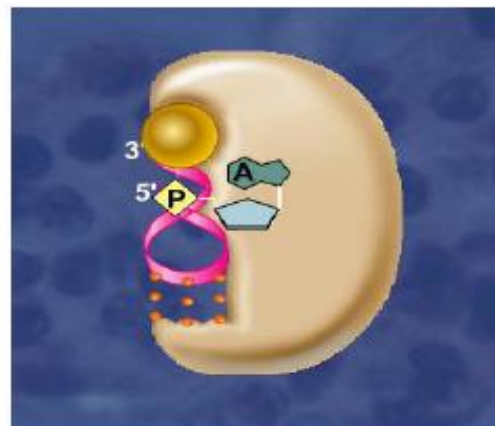
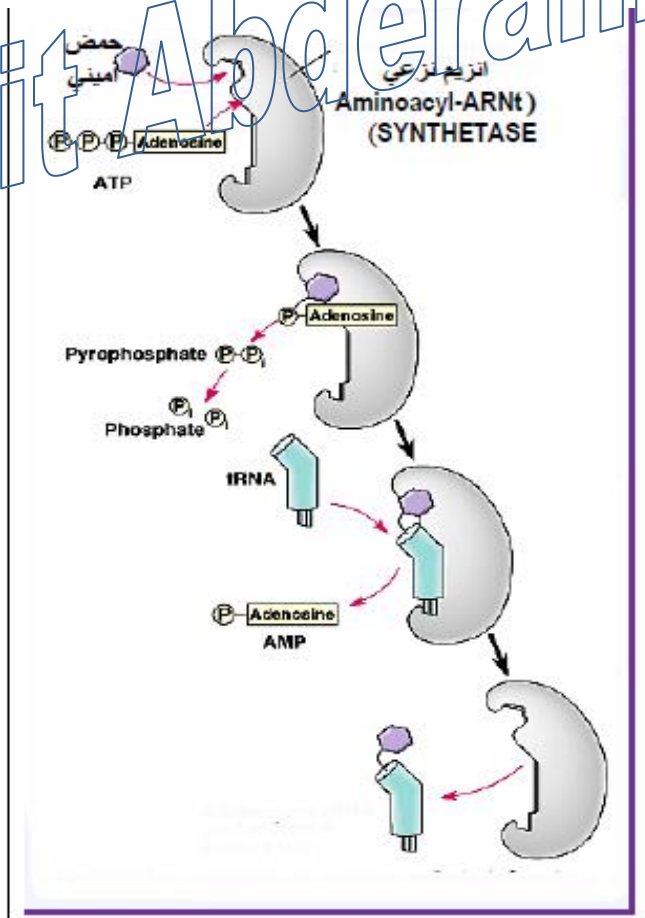
✓ توفر عناصر تشكيل المعقد وهي:

- إنزيم التنشيط : (Aminoacyl-ARNt SYNTHETASE)
- ARNt
- طاقة (ATP)

المرحلة 2:

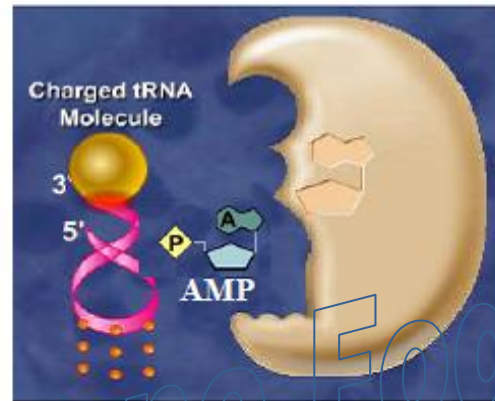
✓ تشكل المعقد انزيم-مادة التفاعل

- ترتبط عناصر التفاعل ARNt ، حمض أميني، ATP بالموقع الفعال للإنزيم لينتقل معقد إنزيم - مادة التفاعل.

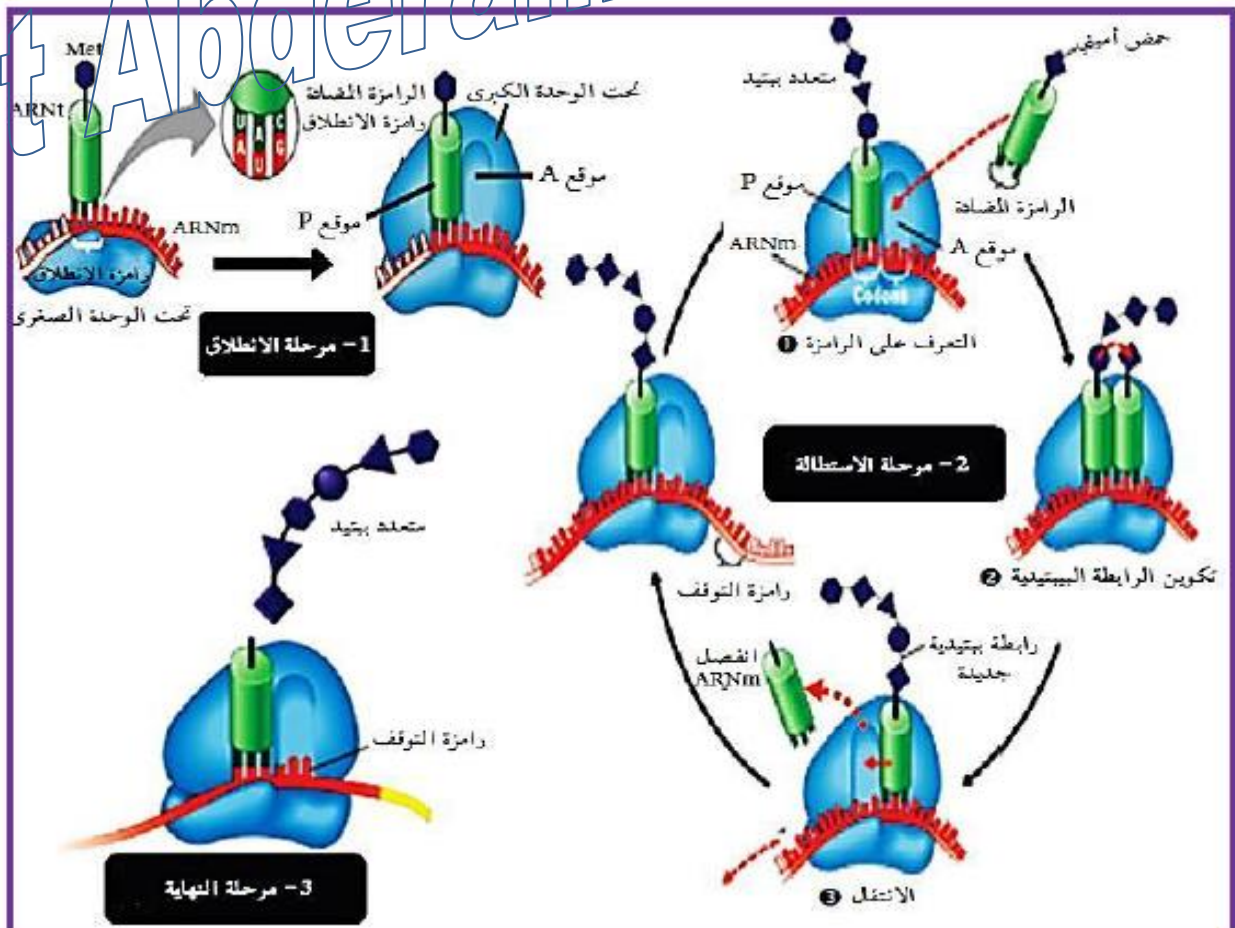


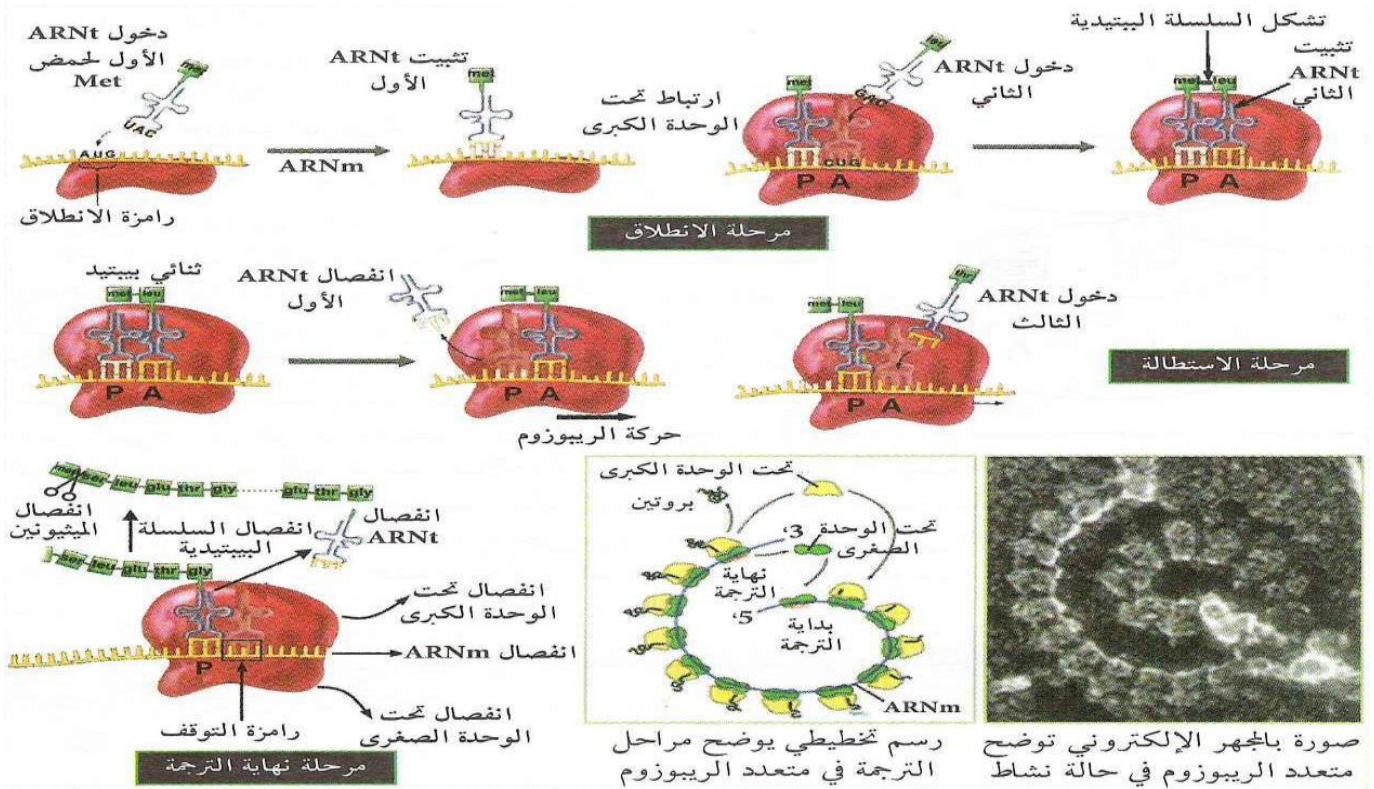


دور ARNt في تركيب البروتين (تنشيط الحمض الأميني)



5- مراحل حدوث الترجمة





العناصر الضرورية لتشكيل معقد الانطلاق (انطلاق عملية الترجمة):

- ✓ الـ ARNm
- ✓ تحت وحدتي الريبوزوم الكبرى والصغرى
- ✓ الـ ARNt الخاص بالميثيونين
- ✓ الـ ARNt الناقل للحمض الأميني الثاني
- ✓ إنزيمات وطاقة.

مراحل الترجمة: تتم عملية الترجمة على ثلاثة مراحل:

1- **الانطلاق:** وفيها ترتبط تحت الوحدة الصغرى للريبوزوم بـ ARNm

على مستوى **الطرف 5'**، ثم توضع ARNt الخاص بـ Met

على رمزة الانطلاق AUG في ARNm في **الموقع P** للريبوزوم ترتبط تحت

الوحدة الكبرى للريبوزوم فيتشكل **معقد الانطلاق** يتثبت ARNt الناقل للحمض

الأميني الثاني في الموقع A للريبوزوم وفق الرمزة الثانية في ARNm

تتشكل رابطة ببتيدية بين الحمض الأميني الأول (Met) والثاني بتدخل إنزيمات

خاصة وطاقة. ينفصل الحمض الأميني الأول عن ARNt الذي ينفصل

بدوره عن الموقع **P** للريبوزوم.

2- **الاستطالة:** ينتقل الريبوزوم على ARNm برامزة واحدة ، فيصبح ARNt

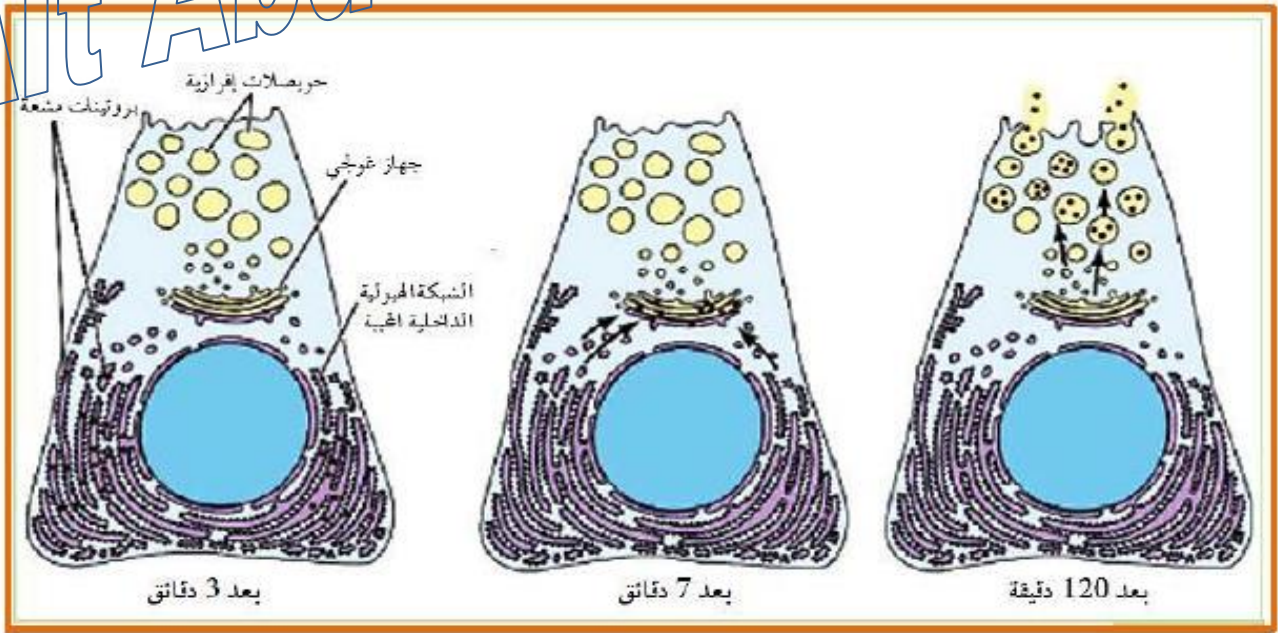
الثاني في الموقع P ويصبح **الموقع A شاغرا** ليسمح بارتباط ARNt الثالث

تتشكل رابطة ببتيدية بين الحمض الأميني الثاني والثالث وهكذا يستمر انتقال

المعقد على ARNm التعرف والتثبيت وبالتالي استطالة السلسلة الببتيدية.

3- **النهاية:** عندما يصل الريبـ ————— وزوم إلى إحدى رامزات التوقف (UAA-UAG-UGA) على ARNm تتفصل تحت وحدتي الريبوزوم، ينحر ARNt الأخير والسلسلة الببتيدية.

6 - مصير البروتين بعد تركيبه



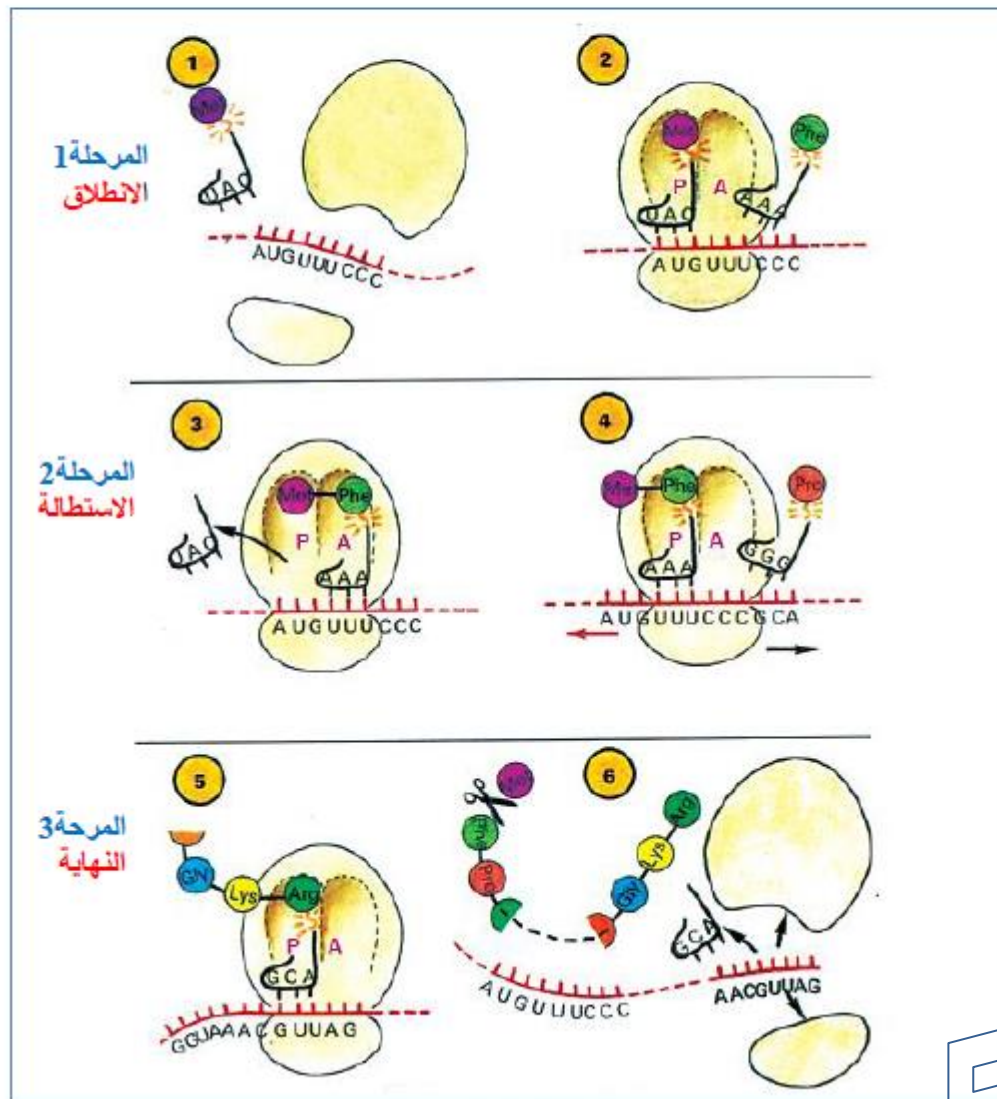
يتم تركيب البروتين على مستوى الشبكة الهيولية الفعالة (الريبوزومات) ثم ينتقل إلى جهاز كولجي عن طريق حويصلات انتقالية ، وأخيرا من جهاز غولجي إلى حويصلات عن طريق التبرعم على مستوى كيبسات جهاز غولجي.

- ✓ يتم تركيب البروتين على مستوى الريبوزومات
- ✓ على مستوى جهاز غولجي يكتمل نضج البروتين وتخليفه في شكل حويصلات
- ✓ الحويصلات الإفرازية هي وسيلة لنقل البروتين إلى خارج الخلية عن طريق الاطراح الخلوي (نقل حويصلي)

ملحق خاص بالوثائق

أولاً : رسومات تخطيطية توضح مراحل الترجمة

النموذج 1

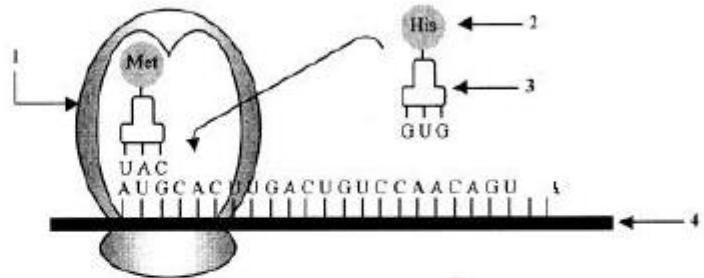




النموذج 2

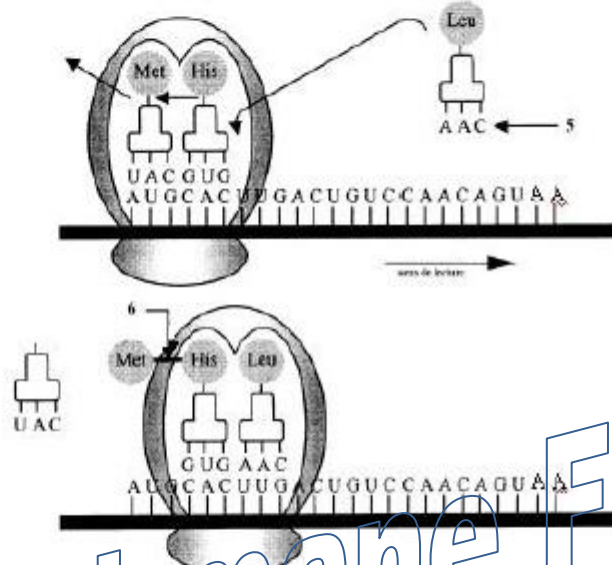
المرحلة 1 : الانطلاق

- 3- ريبوزم وظيفي
- 4- حمض أميني
- 5- ARNt
- 6- ARNm



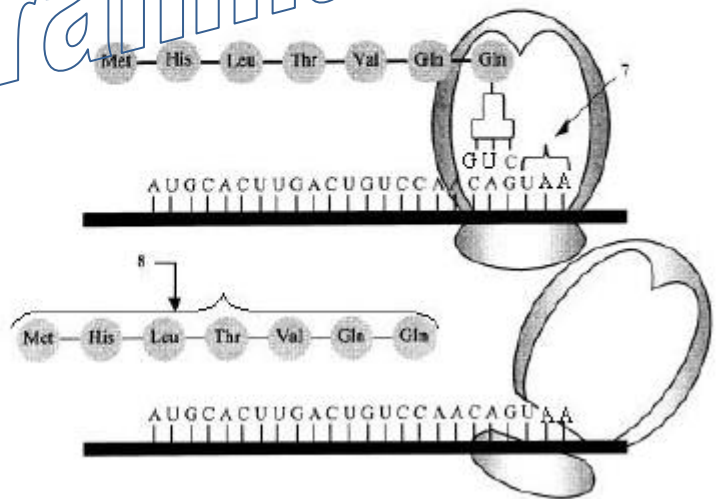
المرحلة 2 : الاستطالة

- 1- الرامزة المضادة
- 2- رابطة بيتيدية



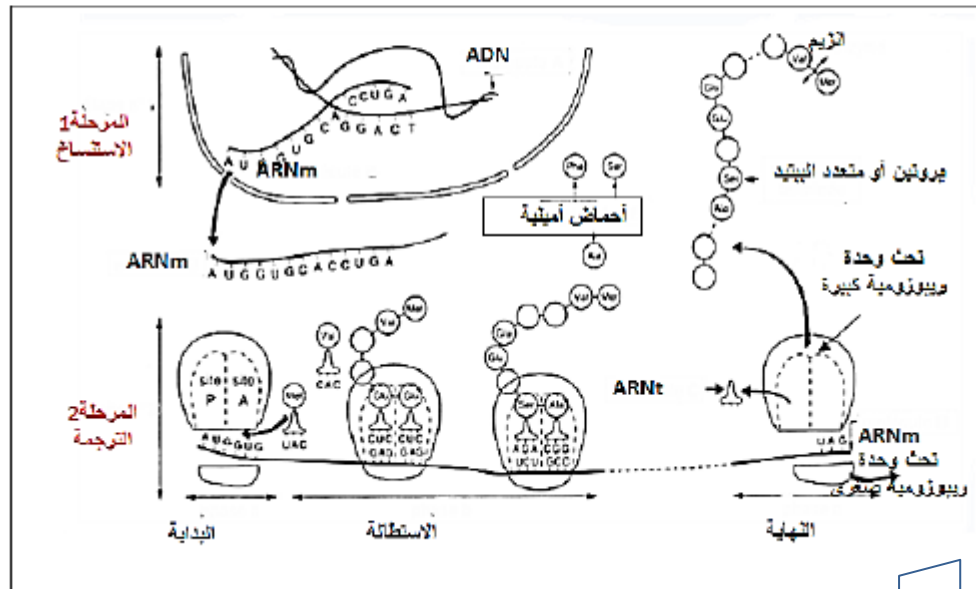
المرحلة 3 : النهاية

- 7- رامزة التوقف (بدون معنى)
- 8- سلسلة بيتيدية

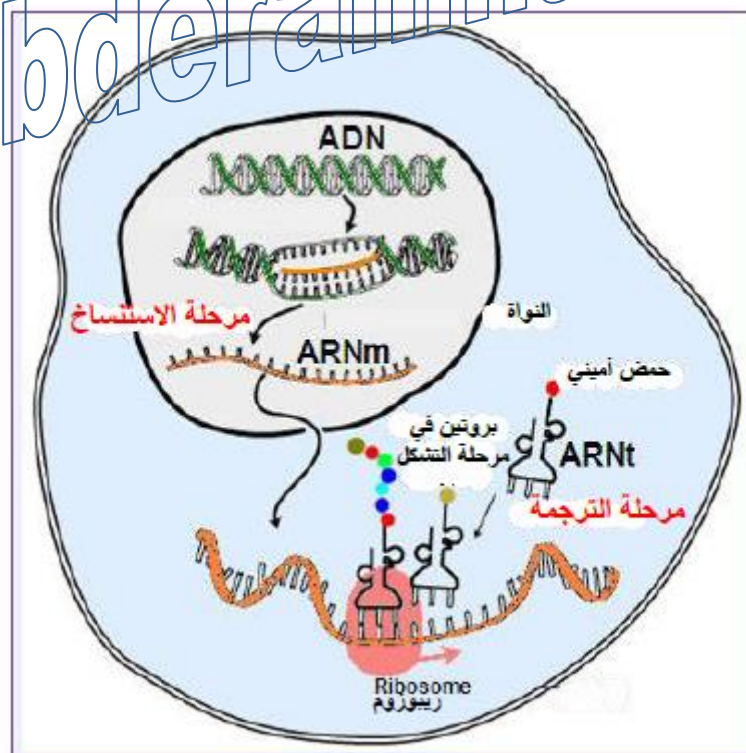


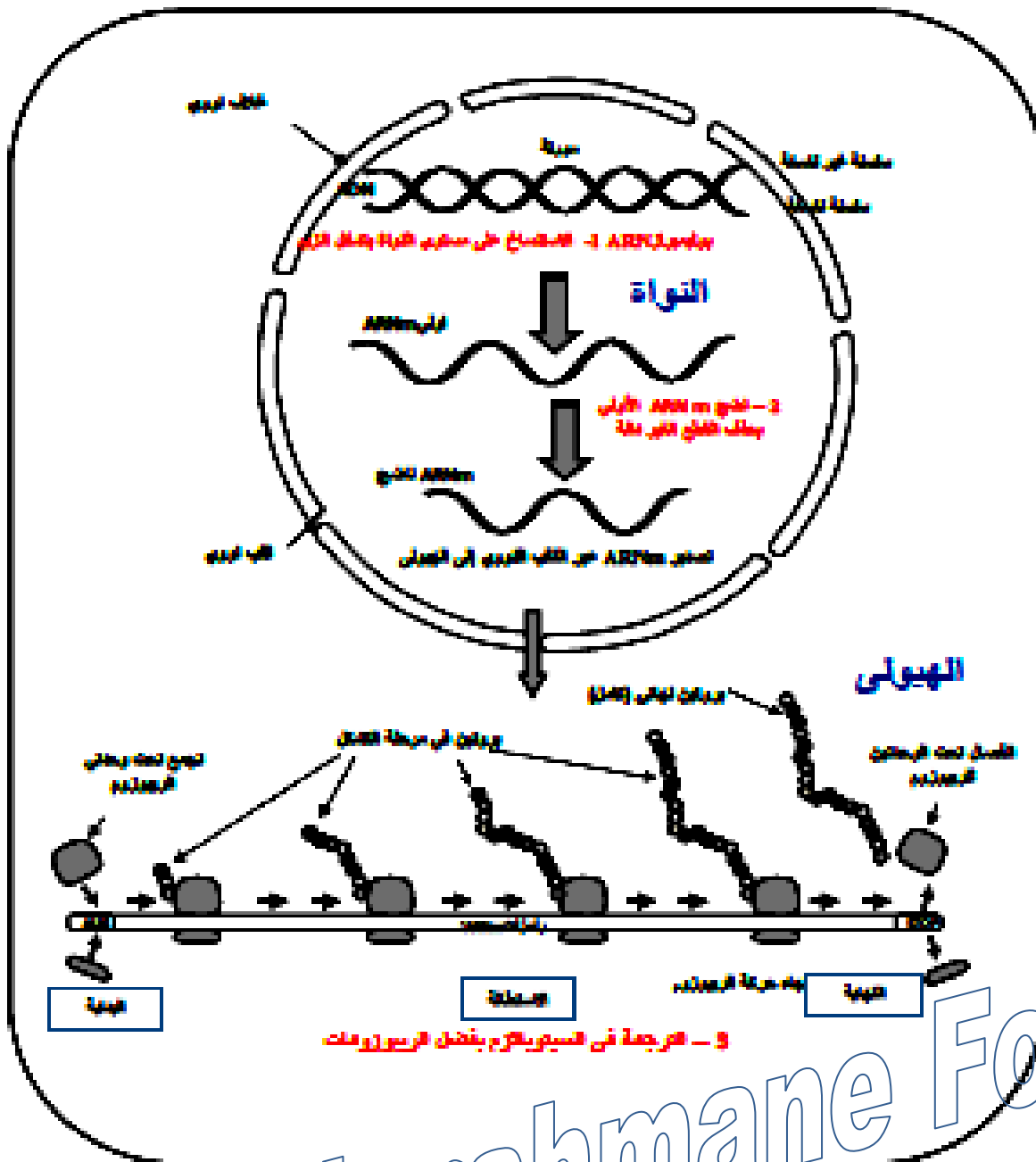
رسومات تخطيطية يوضح مراحل التعبير الجيني عند حقيقيات النواة

الخطوة 1



الخطوة 2





تحليل مقارن لتتابع النكليوتيدات وتتابع الأحماض الأمينية باستعمال برنامج Anagène:

The screenshot displays the CNBP-INRP Anagène software interface. The top menu bar includes 'Fichier', 'Edition', 'Traiter', 'Informations', 'Fenêtre', 'Options', and 'Aide'. Below the menu is a toolbar with various icons. The main window is divided into two sections: 'Affichage des séquences' and 'Conversion'.

In the 'Affichage des séquences' section, a sequence named 'betacod.adn' is displayed with a scale from 0 to 90. The sequence is: `UATGGTGCACCTGACTCTGAGGAGAGCTCTGCCGTTACTGCCCTGTGGGGCAGGTCAGCGTGGATGAAGTTGGTGGTGAGGCCCTGGGCAG`. Below the sequence, it indicates 'Sélection : 0/1 lignes'.

In the 'Conversion' section, a scale from 0 to 90 is shown. Below it, a table lists the conversion of 'betacod.adn' into amino acids. The table has three rows: 'Traitement', 'Am-betacod.adn', and 'Pro-betacod.adn'. The 'Traitement' row shows 'Conversion de betacod.adn'. The 'Am-betacod.adn' row shows the amino acid sequence: `AUGGUGCACCUGACUCCUGAGGAGAGUCUGCCGUACUCCUGUGGGGCAAGGUGAAGCUGGAGUAGUUGGUGGAGGCCUUGGGCAG`. The 'Pro-betacod.adn' row shows the protein sequence: `MetValHisLeuThrProGluGluLysSerAlaValThrAlaLeuTrpGlyLysValAsnValAspGluValGlyGlyGluAlaLeuGlyArg`. Below the table, it indicates 'Sélection : 0/3 lignes'.

The text 'الوثيقة (3)' is visible in the bottom right corner of the screenshot.

يتم الحصول على الوثيقة -3- بإتباع الخطوات التالية في البرنامج:

Fichier → banque de séquences → chaine de hémoglobine →

Beta → Séquence normale → Beta cod .adn → entrée (OK)

تظهر النافذة العليا من الوثيقة -3- ثم أكمل للحصول على النافذة الثانية:

Traiter → convertir les séquences → ARNmessenger+ peptidique

→ entrée (OK)

Ait Abderahmane Fodil

السلسلة
الموضحة في
الوثيقة -3-
هي السلسلة غير
المستنسخة

س2 - فيم تفيد مقارنة تتابع النيكليوتيدات لمورثات مختلفة في الوثيقة 4

الوثيقة (4)

ملحوظة هامة: يتم الحصول على الوثيقة 4 - بإتباع الخطوات التالية في البرنامج:

Fichier → **banque de séquences** → **chaîne de hémoglobine** → **Beta** → **Séquences normales** → **Beta cod .adn** → **entrée (OK)**

تظهر النافذة الأولى تحتوي على سلسلة واحدة فقط (السلسلة غير المستسخة لـ Hba)
واصل:

Fichier → **banque de séquences** → **chaîne de hémoglobine** → **Beta**

→ **Séquence muter** → **Derepanocytose** → **Drepacod .adn** → **entrée (OK)**

تظهر في نفس النافذة السلسلة الثانية (السلسلة غير المستسخة لـ Hbs)
واصل لظهور النافذة الثانية:

Traiter → **Comparer les séquences** → **Comparaison simple** → **OK**

بالتوفيق في المراجعة
لل بكالوريا

للمزيد من التوضيح و الإستعلام راسلونا على صفحة الفايسبوك: صفحة الرائد للعلوم الطبيعية

صفحة الرائد للعلوم الطبيعية
Créer un nom d'utilisateur de Page

ENVOYER UN MESSAGE

Pублиer Photo Promouvoir Voir en tan...